

Résumé de la communication (sous forme poster) présentée au

5ème colloque du Réseau Evolution Virale. 30 Septembre-1er Octobre 2010, Montpellier, France.

Origine de la biodiversité des séquences BSV détectées en Afrique de l'Est

Muller E., Aksa A. Iskra-Caruana M-L.

CIRAD UMR BGPI, TA A54/K, Campus International de Baillarguet, 34398 Montpellier cedex 5

Le *Banana streak virus* (BSV), du genre Badnavirus présente une structuration polyphylétique en trois clades bien distincts. Cette structuration complexe demande à être élucidée sachant que le BSV peut exister à la fois sous forme libre et intégrée au génome de son hôte. Des échantillons ont été prélevés en Ouganda, seul pays d'épidémie ancienne où la variabilité moléculaire du BSV est particulièrement importante puisque les trois clades y ont été détectés, contrairement à d'autres régions du monde. Afin d'étudier la variabilité moléculaire du BSV dans cette zone en lien avec son origine intégrée ou pas, le virus a été recherché par immunocaptures PCR avec des amorces spécifiques des espèces BSV du clade I, puis par PCR sur les extraits d'ADN totaux avec des amorces spécifiques des espèces BSV du clade II et III. Par ailleurs, la nature libre ou intégrée des séquences BSV dans le génome de bananier a été étudiée par hybridation en Southern Blot.